

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
3. Januar 2003 (03.01.2003)

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 03/000926 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷:

C12Q 1/68

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE02/02264

(22) Internationales Anmeldedatum:

20. Juni 2002 (20.06.2002)

(25) Einreichungssprache:

Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache:

Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:

101 30 800.0 22. Juni 2001 (22.06.2001) DE

(71) Anmelder (*für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US*): EPIGENOMICS AG [DE/DE]; Kastanienallee 24, 10435 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (*nur für US*): BERLIN, Kurt [DE/DE]; Marienkäferweg 4, 14532 Stahnsdorf (DE).

(74) Anwalt: SCHUBERT, Clemens; Neue Promenade 5, 10178 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(54) Title: METHOD FOR HIGH SENSITIVITY DETECTION OF CYTOSINE-METHYLATION

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUM NACHWEIS VON CYTOSIN-METHYLIERUNG MIT HOHER SENSITIVITÄT

(57) Abstract: The invention relates to a method for detecting cytosine-methylation in DNA-samples, which enables DNA to be analysed in the presence of large amounts of background DNA from the same individual. In the first step, a genomic DNA sample is chemically treated, preferably with a bisulphite (=disulphate, hydrogensulphite), in such a way that the cytosine is converted into a base which is different from the base pairing behaviour in the DNA-duplex, during which 5-methylcytosine remains unchanged. Subsequently, sections of the DNA samples are amplified by means of a polymerase reaction. The amplificates are cut in an enzymatically selective manner in specific positions which exhibit a methylation status in the DNA sample which is not characteristic for the DNA which is to be further analysed, not only for background DNA. The non enzymatically cut DNA is amplified in a further polymer reaction, and the DNA which is to be analysed is enriched compared to the available background DNA. The amplificate is then analysed with regard to the sequence properties thereof, enabling conclusions to be made from the methylation status in said DNA in the genomic DNA-sample.

(57) Zusammenfassung: Beschrieben wird ein Verfahren zum Nachweis von Cytosin-Methylierung in DNA-Proben, welches die Analyse zu untersuchender DNA bei Anwesenheit grösserer Mengen Hintergrund DNA des gleichen Individuums gestattet. Im ersten Schritt wird eine genomische DNA Probe chemisch, bevorzugt mit einem Bisulfit (=Disulfit, Hydrogensulfit), derart behandelt, dass Cytosin in eine vom Basenpaarungsverhalten in der DNA-Duplex her unterschiedliche Base umgewandelt wird, während 5-Methylcytosin unverändert bleibt. Anschliessend werden Abschnitte der Proben-DNA mittels einer Polymerasereaktion amplifiziert. Die Amplifikate werden enzymatisch selektiv an solchen Positionen geschnitten, die in der DNA Probe einen Methylierungsstatus aufwiesen, welcher fuer die weiter zu untersuchende DNA nicht charakteristisch ist, nicht aber für Hintergrund-DNA. Die nicht enzymatisch geschnittene DNA wird nun in einer weiteren Polymeraseraktion amplifiziert, und dabei die zu untersuchende DNA gegenüber etwa vorhandener Hintergrund DNA angereichert. Das Amplifikat wird zuletzt hinsichtlich seiner Sequenzenschaften untersucht und daraus auf den Methylierungsstatus in der zu untersuchenden DNA in der genomischen DNA-Probe geschlossen.

WO 03/000926 A2

**Verfahren zum Nachweis von Cytosin-Methylierung mit hoher
Sensitivität**

5 Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zum
Nachweis von Cytosin-Methylierung in DNA-Proben. Das Ver-
fahren dient insbesondere zum Nachweis der Anwesenheit
oder Abwesenheit von Cytosin-Methylierung in zu untersu-
chender DNA in Proben eines Individuums, in denen nicht
10 zu untersuchende Hintergrund DNA des gleichen Individuums
vorliegt, die sich nur hinsichtlich des Methylierungssta-
tus von der zu untersuchenden DNA unterscheidet.

Die nach den methodischen Entwicklungen der letzten Jahre
15 in der Molekularbiologie gut studierten Beobachtungsebe-
nen sind die Gene selbst, die Übersetzung dieser Gene in
RNA und die daraus entstehenden Proteine. Wann im Laufe
der Entwicklung eines Individuums welches Gen angeschal-
tet wird und wie Aktivieren und Inhibieren bestimmter Ge-
ne in bestimmten Zellen und Geweben gesteuert wird, ist
20 mit Ausmaß und Charakter der Methylierung der Gene bzw.
des Genoms korrelierbar. Insofern äußern sich pathogene
Zustände in einem veränderten Methylierungsmuster einzel-
ner Gene oder des Genoms.

25 5-Methylcytosin ist die häufigste kovalent modifizierte
Base in der DNA eukaryotischer Zellen. Sie spielt bei-
spielsweise eine Rolle in der Regulation der Transkripti-
on, beim genetischen Imprinting und in der Tumorgenese.
30 Die Identifizierung von 5-Methylcytosin als Bestandteil
genetischer Information ist daher von erheblichem Inter-
esse. 5-Methylcytosin-Positionen können jedoch nicht
durch Sequenzierung identifiziert werden, da 5-Methyl-
cytosin das gleiche Basenpaarungsverhalten aufweist wie
35 Cytosin. Darüber hinaus geht bei einer PCR-Amplifikation

die epigenetische Information, welche die 5-Methylcytosine tragen, vollständig verloren.

Eine relativ neue und die mittlerweile am häufigsten angewandte Methode zur Untersuchung von DNA auf 5-Methylcytosin beruht auf der spezifischen Reaktion von Bisulfit mit Cytosin, das nach anschließender alkalischer Hydrolyse in Uracil umgewandelt wird, welches in seinem Basenpaarungsverhalten dem Thymidin entspricht. 5-Methylcytosin wird dagegen unter diesen Bedingungen nicht modifiziert. Damit wird die ursprüngliche DNA so umgewandelt, dass Methylcytosin, welches ursprünglich durch sein Hybridisierungsverhalten vom Cytosin nicht unterschieden werden kann, jetzt durch „normale“ molekularbiologische Techniken als einzig verbliebenes Cytosin beispielsweise durch Amplifikation und Hybridisierung oder Sequenzierung nachgewiesen werden kann. Alle diese Techniken beruhen auf Basenpaarung, welche jetzt voll ausgenutzt wird. Der Stand der Technik, was die Empfindlichkeit betrifft, wird durch ein Verfahren definiert, welches die zu untersuchende DNA in einer Agarose-Matrix einschließt, dadurch die Diffusion und Renaturierung der DNA (Bisulfit reagiert nur an einzelsträngiger DNA) verhindert und alle Fällung- und Reinigungsschritte durch schnelle Dialyse ersetzt (Olek A, Oswald J, Walter J. A modified and improved method for bisulphate based cytosine methylation analysis. Nucleic Acids Res. 1996 DEC 15;24(24):5064-6). Mit dieser Methode können einzelne Zellen untersucht werden, was das Potential der Methode veranschaulicht. Allerdings werden bisher nur einzelne Regionen bis etwa 3000 Basenpaare Länge untersucht, eine globale Untersuchung von Zellen auf Tausenden von möglichen Methylierungsanalysen ist nicht möglich. Allerdings kann auch dieses Verfahren keine sehr kleinen Fragmente aus geringen Probenmengen zuverlässig analysieren. Diese gehen trotz Diffusionsschutz durch die Matrix verloren.

Eine Übersicht über die weiteren bekannten Möglichkeiten, 5-Methylcytosine nachzuweisen, kann aus dem folgenden Übersichtsartikel entnommen werden: Rein T, DePamphilis ML,
5 Zorbas H. Identifying 5-methylcytosine and related modifications in DNA genomes. Nucleic Acids Res. 1998 May 15;26(10):2255-64.

Die Bisulfit-Technik wird bisher bis auf wenige Ausnahmen
10 (z. B. Zeschnigk M, Lich C, Buiting K, Dörfler W, Horsthemke B. A single-tube PCR test for the diagnosis of Angelman and Prader-Willi syndrome based on allelic methylation differences at the SNRPN locus. Eur J Hum Genet. 1997 Mar-Apr;5(2):94-8) nur in der Forschung angewendet. Immer aber werden kurze, spezifische Stücke eines
15 bekannten Gens nach einer Bisulfit-Behandlung amplifiziert und entweder komplett sequenziert (Olek A, Walter J. The pre-implantation ontogeny of the H19 methylation imprint. Nat Genet. 1997 Nov.;17(3):275-6) oder einzelne
20 Cytosin-Positionen durch eine „Primer-Extension-Reaktion“ (Gonzalgo ML, Jones PA. Rapid quantitation of methylation differences at specific sites using methylation-sensitive single nucleotide primer extension (Ms-SNuPE). Nucleic Acids Res. 1997 Jun. 15;25(12):2529-31, WO-Patent
25 9500669) oder einen Enzymschnitt (Xiong Z, Laird PW. COBRA: a sensitive and quantitative DNA methylation assay. Nucleic Acids Res. 1997 Jun. 15;25(12):2532-4) nachgewiesen. Zudem ist auch der Nachweis durch Hybridisierung beschrieben worden (Olek et al., WO 99 28498).

30 Harnstoff verbessert die Effizienz der Bisulfit-Behandlung vor der Sequenzierung von 5-Methylcytosin in genomischer DNA (Paulin R, Grigg GW, Davey MW, Piper AA. Urea improves efficiency of bisulphate-mediated sequencing of 5'-methylcytosine in genomic DNA. Nucleic Acids Res. 1998 Nov. 1;26(21):5009-10).

Weitere Publikationen, die sich mit der Anwendung der Bisulfit-Technik zum Methylierungsnachweis bei einzelnen Genen befassen, sind:

5 Grigg G, Clark S. sequencing 5-methylcytosine residues in genomic DNA. Bioassays. 1994 Jun.;16(6):431-6, 431; Zeschnigk M, Schmitz B, Dittrich B, Buiting K, Horsthemke B, Dörfler W. Imprinted segments in the human genome: different DNA methylation patterns in the Prader-
10 Willi/Angelman syndrome region as determined by the genomic sequencing method. Hum Mol Genet. 1997 Mar;6(3):387-95; Feil R, Charlton J, Bird AP, Walter J, Reik W. Methylation analysis on individual chromosomes: improved protocol for bisulphite genomic sequencing. Nucleic Acids Res. 1994 Feb. 22(4):695-6; Martin V, Ribieras S, Song-Wang X, Rio MC, Dante R. Genomic sequencing indicates a correlation between DNA hypomethylation in the 5' region of the pS2 gene and its expression in human breast cancer cell lines. Gene. 1995 May 19;157(1-2):261-4; WO97/46705, WO95/15373 und WO97/45560.
15
20

Ein weiteres bekanntes Verfahren ist die sogenannte methylierungssensitive PCR (Herman JG, Graff JR, Myohanen S, Nelkin BD, Baylin SB. (1996), Methylation-specific PCR: a novel PCR assay for methylation status of CpG islands. Proc Natl Acad Sci U S A. Sep 3;93(18):9821-6). Für dieses Verfahren werden Primer verwendet, die entweder nur an eine Sequenz hybridisieren, die durch die Bisulfit-Behandlung einer an der betreffenden Position unmethylierten DNA entsteht, oder aber umgekehrt Primer, welche nur an eine Nukleinsäure bindet, die durch die Bisulfit-Behandlung einer an der betreffenden Position unmethylierten DNA entsteht. Mit diesen Primer können demnach Amplifikate erzeugt werden, deren Detektion wiederum 25
30
35 Hinweise auf das Vorliegen einer methylierten oder un-

methylierten Position in der Probe liefern, an welche die Primer binden.

Ein neueres Verfahren ist auch der Nachweis von Cytosin-Methylierung mittels einer Taqman PCR, das als Methyl-Light bekannt geworden ist (WO00/70090). Mit diesem Verfahren ist es möglich, den Methylierungsstatus einzelner oder weniger Positionen direkt im Verlauf der PCR nachzuweisen, so dass sich eine nachfolgende Analyse der Produkte erübrigt.

Eine Übersicht über den Stand der Technik in der Oligomer Array Herstellung lässt sich aus einer im Januar 1999 erschienenen Sonderausgabe von Nature Genetics (Nature Genetics Supplement, Volume 21, January 1999), der dort zitierten Literatur und dem US-Patent 5994065 über Methoden zur Herstellung von festen Trägern für Zielmoleküle wie Oligonucleotide bei vermindertem nichtspezifischen Hintergrundsignal entnehmen.

Für die Abtastung eines immobilisierten DNA-Arrays sind vielfach fluoresziert markierte Sonden verwendet worden. Besonders geeignet für Fluoreszenzmarkierungen ist das einfache Anbringen von Cy3 und Cy5 Farbstoffen am 5'-OH der jeweiligen Sonde. Die Detektion der Fluoreszenz der hybridisierten Sonden erfolgt beispielsweise über ein Konfokalmikroskop. Die Farbstoffe Cy3 und Cy5 sind, neben vielen anderen, kommerziell erhältlich.

Matrix-assistierte Laser Desorptions/Ionisations-Massenspektrometrie (MALDI-TOF) ist eine sehr leistungsfähige Entwicklung für die Analyse von Biomolekülen (Karas M, Hillenkamp F. Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10,000 daltons. Anal Chem. 1988 Oct. 15;60(20):2299-301). Ein Analyt wird in eine lichtabsorbierende Matrix eingebettet. Durch ei-

nen kurzen Laserpuls wird die Matrix verdampft und das Analytmolekül so unfragmentiert in die Gasphase befördert. Durch Stöße mit Matrixmolekülen wird die Ionisation des Analyten erreicht. Eine angelegte Spannung beschleunigt die Ionen in ein feldfreies Flugrohr. Auf Grund ihrer verschiedenen Massen werden Ionen unterschiedlich stark beschleunigt. Kleinere Ionen erreichen den Detektor früher als größere.

10 MALDI-TOF Spektroskopie eignet sich ausgezeichnet zur Analyse von Peptiden und Proteinen. Die Analyse von Nukleinsäuren ist etwas schwieriger (Gut, I. G. und Beck, S. (1995), DNA and Matrix Assisted Laser Desorption Ionization Mass Spectrometry. Molecular Biology: Current Innovations and Future Trends 1: 147-157.) Für Nukleinsäuren ist die Empfindlichkeit etwa 100 mal schlechter als für Peptide und nimmt mit zunehmender Fragmentgröße überproportional ab. Für Nukleinsäuren, die ein vielfach negativ geladenes Rückgrat haben, ist der Ionisationsprozeß durch die Matrix wesentlich ineffizienter. In der MALDI-TOF Spektroskopie spielt die Wahl der Matrix eine eminent wichtige Rolle. Für die Desorption von Peptiden sind einige sehr leistungsfähige Matrices gefunden worden, die eine sehr feine Kristallisation ergeben. Für DNA gibt es zwar mittlerweile einige ansprechende Matrices, jedoch wurde dadurch der Empfindlichkeitsunterschied nicht verringert. Der Empfindlichkeitsunterschied kann verringert werden, indem die DNA chemisch so modifiziert wird, dass sie einem Peptid ähnlicher wird. Phosphorothioatnukleinsäuren, bei denen die gewöhnlichen Phosphate des Rückgrats durch Thiophosphate substituiert sind, lassen sich durch einfache Alkylierungsschemie in eine ladungsneutrale DNA umwandeln (Gut, I. G. und Beck, S. (1995), A procedure for selective DNA alkylation and detection by mass spectrometry. Nucleic Acids Res. 23: 1367-1373). Die Kopplung eines „charge tags“ an diese modifizierte DNA

resultiert in der Steigerung der Empfindlichkeit um den gleichen Betrag, wie er für Peptide gefunden wird. Ein weiterer Vorteil von „charge tagging“ ist die erhöhte Stabilität der Analyse gegen Verunreinigungen, die den 5 Nachweis unmodifizierter Substrate stark erschweren.

Genomische DNA wird durch Standardmethoden aus DNA von Zell-, Gewebe- oder sonstigen Versuchsproben gewonnen. Diese Standardmethodik findet sich in Referenzen wie 10 Fritsch und Maniatis, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 1989.

Nach der Erfindung der PCR sind in den folgenden Jahren zahlreiche Varianten bekannt geworden, die diese Technik 15 zur Amplifikation der DNA verfeinern. Insbesondere ist hier die Multiplexierung der PCR (Multiplex-PCR) zu erwähnen, wobei man mehr als 2 spezifische Primer einsetzt und dabei in einem Reaktionsgefäß eine Vielzahl von verschiedenen, spezifische n Amplifikation erzeugen kann. 20 Besonders interessant ist auch die sogenannte Nested PCR, welche unter anderem zum Nachweis besonders geringer DNA Mengen verwendet wird. Diese Art der PCR besteht aus zwei aufeinanderfolgenden Amplifikationen, wobei die Primer der zweiten Amplifikation innerhalb des ersten Amplifikates liegen und nicht mit den Primern der ersten Amplifikation identisch sind. Dadurch wird eine besondere Spezifität erreicht, da die Primer der zweiten Amplifikation nur dann funktionieren, wenn in der ersten Amplifikation das beabsichtigte Fragment erzeugt wurde. Dagegen ist die 25 die Vermehrung etwaiger Nebenprodukte der ersten Amplifikation in der zweiten so gut wie ausgeschlossen. 30

Es sind demnach bislang vielerlei Verfahren zur Methylierungsanalyse Stand der Technik. Die vorliegende Erfindung 35 soll jedoch das Problem lösen, dass die gängigen Verfahren nicht in der Lage sind, eine in einer Körperflüssig-

keit oder Serum befindliche zu untersuchende DNA gezielt zu amplifizieren, wenn zugleich andere, sequenzhomologe DNA-Abschnitte anderen Ursprungs zugegen sind.

5 Dies wäre aber besonders vorteilhaft, da beispielsweise im Serum sich freie DNA aus unterschiedlichsten Quellen befinden kann. Da DNA aus unterschiedlichen Quellen in einem Individuum sich normalerweise nicht in der Sequenz, jedoch durchaus im Methylierungsmuster unterscheidet
10 (wenn man mal von etwa vorhandener viraler oder bakterieller DNA absieht), besteht der Bedarf nach einem Verfahren, welches die DNA bevorzugt anreichert und damit der genauen Methylierungsanalyse zugänglich macht, welche aus einer ganz bestimmten Quelle stammt. Dies ist besonders
15 bedeutsam für den Nachweis abweichender Methylierungsmuster in Tumoren, die auf diese Art aus beispielsweise Serum nachgewiesen werden können.

Die zu untersuchende DNA sowie die ansonsten vorhandenen, 20 im folgenden Hintergrund-DNA genannten Nukleinsäuren, werden in aller Regel gleichermaßen amplifiziert, da die verwendeten Primer auch nicht in der Lage sind, zwischen zu untersuchender DNA und Hintergrund-DNA zu unterscheiden. Eine Möglichkeit zur Unterscheidung dieser DNAs ergibt sich jedoch durch das unterschiedliche Methylierungsmuster. Ein gängiges Verfahren ist die methylierungssensitive PCR, kurz MSP (Herman JG, Graff JR, Myohanen S, Nelkin BD, Baylin SB. (1996), Methylation-specific PCR: a novel PCR assay for methylation status of CpG islands. Proc Natl Acad Sci U S A. Sep 3;93(18):9821-6). Dieses Verfahren besteht aus mehreren Teilschritten. Zunächst wird eine dem Stand der Technik entsprechende Bisulfit-Behandlung durchgeführt, welche wiederum dazu führt, dass alle Cytosinbasen in Uracil umgewandelt werden, während die methylierten Cytosinbasen (5-Methylcytosin) unverändert bleiben. Im nächsten Schritt

verwendet man nun Primer, welche vollständig komplementär zu einer methylierten, mit Bisulfit umgewandelten DNA sind, nicht jedoch zu einer entsprechenden DNA welche ursprünglich nicht methyliert vorlag. Das führt bei der
5 Durchführung einer PCR mit einem solchen Primer dazu, dass ausschließlich die ursprünglich methylierte DNA amplifiziert wird. Entsprechend ist es möglich, einen Primer zu verwenden, der im Gegenzug nur die unmethylierte DNA amplifiziert. Auf diese Art und Weise können, wenn
10 zu analysierende DNA sowie Hintergrund DNA zugegen sind, ausschließlich die zu untersuchenden DNA Fragmente selektiv erzeugt werden, sofern sich diese hinsichtlich ihres Methylierungsstatus in einer CpG Position von der Hintergrund DNA unterscheiden.

15 Stand der Technik ist es nun, aus dem Nachweis eines solchen zu untersuchenden DNA-Moleküls auf den Methylierungszustand oder das Vorliegen einer zu untersuchenden DNA rückzuschließen, was wiederum eine Diagnose beispielweise einer Tumorerkrankung in Patienten prinzipiell erlaubt, da es bekannt ist, dass beispielsweise die Serum DNA-Konzentration sich in Tumorpatienten zum Teil drastisch erhöht. Nur die von den Tumoren stammende DNA soll dann neben der Hintergrund-DNA nachgewiesen werden.
20 Prinzipiell vergleichbar ist die Analyse von DNA in anderen Körperflüssigkeiten.
25

Stand der Technik ist wiederum ein von Epigenomics entwickeltes Verfahren, welches zu untersuchende DNA und Hintergrund-DNA nach Bisulfit-Behandlung gleichermaßen
30 amplifiziert und dann die im Fragment enthaltenen ehemaligen CpG Positionen durch Hybridisierungstechniken untersucht, alternativ mittels MiniSequenzierung oder anderen gängigen Verfahren. Dies hat den Vorteil, dass man
35 ein quantitatives Bild bezüglich der untersuchten Methylierungspositionen erhält, d. h. es erfolgt die Bestim-

mung des Methylierungsgrades einer Vielzahl von Positionen, was z. B. bei soliden Tumoren eine sehr genau Klassifizierung ermöglicht. Der Nachteil dieser Methode ist jedoch, dass sie in den Fällen, in denen die Hintergrund-DNA stark überwiegt, keine genau Aussage liefern kann, da diese ja genau wie die zu untersuchende DNA amplifiziert wird und beide im Gemisch analysiert werden. Dieses Problem existiert nicht bei der Analyse von soliden Tumoren, wo man das zu untersuchende Material gezielt auswählen kann, es kann jedoch die Analyse von beispielsweise Serum-DNA erschweren.

Ziel der vorliegenden Erfindung ist es nun, die Nachteile des Standes der Technik zu überwinden und die Vorteile beider Verfahren für die Detektion von Methylierungsmustern in Körperflüssigkeiten und Serum zu kombinieren. Wie oben erwähnt ist dies besonders bedeutsam für den Nachweis abweichender Methylierungsmuster in Tumoren, die auf diese Art aus beispielsweise Serum nachgewiesen werden können.

Die Aufgabe wird dadurch gelöst, dass ein Verfahren zum Nachweis von Cytosin-Methylierung in DNA-Proben geschaffen wird bei dem dass man die folgenden Schritte ausführt:

man behandelt eine genomische DNA-Probe, welche zu untersuchende DNA und Hintergrund-DNA umfasst, chemisch, bevorzugt mit einem Bisulfit (=Disulfit, Hydrogensulfit), derart, dass alle nicht methylierten Cytosinbasen in Uracil umgewandelt werden, während die 5-Methylcytosinbasen unverändert bleiben;

man amplifiziert die chemisch behandelte DNA-Probe unter Verwendung von bevorzugt mindestens 2 Primeroligonukleotiden mittels einer Polymerasereaktion,

die DNA wird enzymatisch selektiv an solchen Positionen geschnitten, die in der DNA Probe einen Methylierungsstatus aufwiesen, welcher fuer die weiter zu untersuchende DNA nicht charakteristisch ist, nicht aber für Hintergrund-DNA;

5 die nicht enzymatisch geschnittene DNA wird in einer weiteren Polymeraseraktion amplifiziert, dadurch wird die zu untersuchende DNA gegenüber etwa vorhandener Hintergrund DNA angereichert;

10 das Amplifikat wird hinsichtlich seiner Sequenzeigenschaften untersucht und daraus auf den Methylierungsstatus in der zu untersuchenden DNA in der genomischen DNA-Probe geschlossen.

15 Erfindungsgemäß bevorzugt ist es, dass man die Proben DNA aus Serum oder anderen Körperflüssigkeiten eines Individuums gewinnt.

Es ist weiterhin erfindungsgemäß bevorzugt, dass man die 20 Proben DNA aus Zelllinien, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Serum, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin einbetetem Gewebe, beispielsweise Gewebe von Darm, Niere, Hirn, Herz, Prostata, Lunge, Augen, Brust oder Leber, histologischen Objektträgern und allen möglichen Kombinationen hiervon gewinnt.

25 Es ist ganz besonders erfindungsgemäß bevorzugt, dass man die chemische Behandlung mit einem Bisulfit (=Disulfit, Hydrogensulfit) durchführt. Bevorzugt ist es auch, dass die chemische Behandlung nach Einbetten der DNA in Agarose erfolgt. Es ist auch und weiterhin bevorzugt, dass bei der chemischen Behandlung ein die DNA-Duplex denaturierendes Reagenz und/oder ein Radikalfänger zugegen ist.

30 Besonders bevorzugt ist es auch, die Amplifikationen mehrerer unterschiedlicher Fragmente mit mehr als 2 ver-

schiedenen Primern in einem Reaktionsgefäß durchzuführen und damit die Amplifikationsschritte als Multiplex-PCR auszuführen. Es ist generell besonders bevorzugt, die Amplifikationen als Polymerasekettenreaktion auszuführen.

5

Die in den Amplifikationen verwendeten Primer amplifizieren besonders bevorzugt keine Fragmente aus nicht mit Bisulfit behandelter genomischer DNA (oder nur in vernachlässigbarem Ausmaß), so dass sie für die mit Bisulfit umgewandelte DNA spezifisch sind. Dies schützt vor fehlerhaften Ergebnissen im Falle einer unvollständigen Umwandlungsreaktion mit beispielsweise Natriumbisulfit.

Der enzymatische Schnitt der Hintergrund-DNA wird besonders bevorzugt mit einer Restriktionsendonuklease oder mehreren unterschiedlichen Restriktionsenzymen ausgeführt. Werden mehrere Restriktionsendonuklease n verwendet, so hängt es von den jeweiligen Puffern ab, ob diese nacheinander oder gleichzeitig zum Einsatz kommen. Dem Fachmann ist die Anwendung von Restriktionsenzymen gemäß den von den Herstellern mitgelieferten Protokollen bekannt. Die hier im folgenden als bevorzugt aufgelisteten Restriktionsenzyme, welche kommerziell erhältlich sind, erheben nicht den Anspruch auf Vollständigkeit: Mae II, Psp 1406 I, Ast II, Ssp 5230 I, Bbr P I, Bsa Al, Sna B I, Cfo I, Hin P1 I, Eco 47 III, NAR I, Ehe I, Kas I, Bbe I, Hae II, Acy I, Ban I, Hgi CI, Aos I, Avi II, Hpa II, Msp I, Pin AI, Age I, Eco 56 I, Nae I, Cfr10I, SgrAI, Fse I, XmaCI, Sma I, Srf I, Ava I, Bse Al, Mro I, Taq I, Cla I, Sal I, Hind II, Acc I, Xho I, Sfu I, BstBI, Hinf I, Sau 96 I, Dra II, PssI, Ita I, Dsa V, Scr F I, Mae III, Bst E II, Dde I, Cel II, Esp I oder Aoc I.

Die Restriktionsenzyme schneiden, da sie nach der Bisulfit Umwandlung zwischen TG und CG bzw. auf dem Gegenstrang zwischen CG und CA Dinukleotiden unterscheiden

müssen, allesamt Sequenzen die eines dieser Motive beinhalten.

Demnach schneiden die Restriktionsendonukleasen besonders
5 bevorzugt entweder an Positionen, die vor der Bisulfit Umwandlung und Amplifikation einer im wesentlichen methylierten CpG Position in der zu untersuchenden DNA entsprachen, während die Hintergrund-DNA an dieser Position im wesentlichen unmethyliert vorlag und/oder die Restriktionsendonukleasen schneiden an Positionen, die die vor
10 der Bisulfit Umwandlung und Amplifikation einer im wesentlichen unmethylierten CpG Position in der zu untersuchenden DNA entsprachen, während die Hintergrund-DNA an dieser Position im wesentlichen methyliert vorlag.

15 In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens werden in dem Restriktionsschritt mindestens 90% aller in der vorherigen Amplifikation erzeugten Fragmente geschnitten. Dies ist bei entsprechender Vollständigkeit
20 dieses enzymatischen Schrittes vor allem dann der Fall, wenn die zu untersuchende DNA weniger als 10% der Gesamt-DNA ausmacht. Dies ist jedoch besonders bevorzugt, da dann die Vorteile der hier vorgestellten Methode gegenüber herkömmlichen Techniken besonders zu Tragen kommen,
25 die hohe Spezifität aufgrund der zwei unterschiedlichen Amplifikationen zusammen mit der hohen Selektivität für die zu untersuchende DNA.

Besonders bevorzugt werden daher in dem zweiten Amplifikationsschritt zusätzlich oder ausschliesslich Primer
30 verwendet, die an die Amplifikate des ersten Schrittes hybridisieren, nicht aber mit den Primern des ersten Amplifikationsschrittes hybridisieren oder zu ihnen in wesentlichen Abschnitten sequenzhomolog sind. Damit wird
35 in diesem Verfahren eine nested PCR durchgeführt, wobei zwischen den Amplifikationsschritten die Fragmente enzy-

matisch geschnitten werden, die man der Hintergrund-DNA zuordnet. Diese Fragmente können dann in der folgenden Amplifikation nicht mehr als Template für eine PCR dienen und demzufolge wird ausschliesslich die zu untersuchende 5 DNA amplifiziert. Besonders bevorzugt, damit dies der Fall ist, liegen daher die Restriktionsschnittstellen innerhalb der auch in dem zweiten Amplifikation zu vermehrenden Sequenzabschnitt. Dennoch ist auch eine Variante des Verfahrens bevorzugt, in der der gleiche Satz von 10 Primern in beiden Amplifikationsschritten verwendet wird. Dies ist insbesondere dann vorteilhaft, wenn hochgradig multiplexierte PCR durchgeführt wird, da die Etablierung dieser Reaktionen aufwendig ist und man sich auf diese Art die zweifache Etablierung eines dazugehörigen Primer- 15 satzes mit den entsprechenden Reaktionsbedingungen spart. Dies geht dann zu Lasten der Spezifität dieser Amplifikationen.

Es ist besonders bevorzugt, dass der erste Amplifikations- 20 schritt als Multiplex-PCR ausgeführt wird. Besonders bevorzugt ist auch die Ausführung beider Amplifikations- schritte als Multiplex-PCR.

Besonders bevorzugt ist auch eine Variante, in der die 25 Primer des zweiten Amplifikationsschrittes mit den Schnittstellen der Restriktionsendonuklease(n) überlappen. In diesem Fall wird die Hybridisation der Primer in diesem Schritt an die geschittenen Amplifikate von vorneherein verhindert was erneut die spezifische Amplifikation der aus der zu untersuchenden DNA hervorgegangenen 30 Fragmente fördert.

Bevorzugt ist es erfindungsgemäß ferner, dass die Hintergrund-DNA in 100 facher Konzentration im Vergleich zur zu untersuchenden DNA vorliegt. Weiterhin ist bevorzugt, 35

dass die Hintergrund-DNA in 1000 facher Konzentration im Vergleich zur zu untersuchenden DNA vorliegt.

Bevorzugt ist es ferner, dass die Analyse, oder gegebenenfalls die weitere Analyse mittels Hybridisierung an Oligomer-Arrays erfolgt, wobei Oligomere Nukleinsäuren oder in ihren Hybridisierungseigenschaften ähnliche Moleküle wie PNAs sein können.

Vorteilhaft ist es erfindungsgemäß auch, dass die Oligomere über einen 12-22 Basen langen Abschnitt an die zu analysierende DNA hybridisieren und sie ein CG, TG oder CA Dinukleotid umfassen.

Es ist bevorzugt, dass der Methylierungsstatus von mehr als 10 Methylierungspositionen der zu analysierenden DNA in einem Experiment nachgewiesen wird.

Weiterhin ist bevorzugt, dass der Methylierungsstatus von mehr als 60 Methylierungspositionen der zu analysierenden DNA in einem Experiment nachgewiesen wird.

Auch ist es erfindungsgemäß bevorzugt, dass die Analyse, oder gegebenenfalls die weitere Analyse durch Längenmessung der amplifizierten zu untersuchenden DNA erfolgt, wobei Methoden zur Längenmessung Gelelektrophorese, Kapillargelelektrophorese, Chromatographie (z.B. HPLC), Massenspektrometrie und andere geeignete Methoden umfassen. Vorteilhaft ist es dabei auch, dass Methoden zur Sequenzierung die Sanger-Methode, Maxam-Gilbert-Methode und andere Methoden wie Sequencing by Hybridisation (SBH) umfassen.

Erfindungsgemäß bevorzugt ist auch ein Verfahren, wobei man die Sequenzierung für jede oder eine kleine Gruppe von CpG Positionen mit jeweils einem separaten Primeroli-

gonukleotid ausführt und die Verlängerung der Primer nur eine oder einige wenige Basen ausmacht, und man aus der Art der Primerverlängerung auf den Methylierungsstatus der betreffenden Positionen in der zu untersuchenden DNA schließt.

Weiterhin ist bevorzugt, dass man aus dem Methylierungsgrad an den verschiedenen untersuchten CpG Positionen auf das Vorliegen einer Erkrankung oder eines anderen medizinischen Zustandes des Patienten schließt.

Vorteilhaft ist es, dass die Amplifikate selbst für die Detektion mit einer nachweisbaren Markierung versehen sind. Bevorzugt werden diese Markierungen entweder durch eine Markierung der Primer oder der Nukleotide während der Amplifikation in die erzeugten Fragmente eingebracht.

Weiterhin vorteilhaft ist es, dass die Markierungen Fluoreszenzmarkierungen sind. oder/und dass die Markierungen Radiumnuklide sind oder/und dass die Markierungen ablösbare Massenmarkierungen sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden.

Bevorzugt ist ferner, dass bei der Amplifikation einer der Primer an eine Festphase gebunden ist. Bei diesen Festphasen kann es sich beispielsweise um funktionalisierte Polymere, Metalle, Glas oder Halbleiter wie Silicium handeln. Das Anbinden der Primer erfolgt bevorzugt über bifunktionale Linkermoleküle, welche an eine silynierte Oberfläche gebunden werden oder aber beispielsweise über Thioate in den Primer an Bromacetyl-derivatisierte Oberflächen oder Gold.

Erfindungsgemäß ist es auch, dass die Amplifikate insgesamt im Massenspektrometer nachgewiesen werden und somit durch ihre Masse eindeutig charakterisiert sind.

Besonders bevorzugt ist es auch, die Bildung spezifischer Fragmente während der Amplifikation unter Verwendung von Reporteroligonukleotiden zu beobachten, welche ihre Fluoreszenzeigenschaften durch spezifische Interaktion mit dem jeweiligen Amplifikat und anderen Oligonukleotiden, den Primern und/oder der Polymerase ändern.

Dabei ist es vorteilhaft, dass man zusätzlich zu dem Reporteroligonukleotid ein weiteres mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiertes Oligomer verwendet, welches unmittelbar benachbart zu dem Reporteroligonukleotid hybridisiert und sich diese Hybridisierung mittels Fluoreszenz Resonanz Energietransfer nachweisen lässt. Weiterhin vorteilhaft ist es, dass ein Taqman-Assay durchgeführt wird. Bevorzugt ist es auch, dass ein Lightcycler Assay durchgeführt wird. Weiterhin ist bevorzugt, dass die Reporteroligonukleotide mindestens eine Fluoreszenzmarkierung tragen. Ferner ist auch bevorzugt, dass die Reportermoleküle die Amplifikation entweder durch eine Zunahme oder eine Abnahme der Fluoreszenz anzeigen. Dabei ist es besonders vorteilhaft, dass man die Zunahme oder Abnahme der Fluoreszenz auch direkt zur Analyse verwendet und aus dem Fluoreszenzsignal auf einen Methylierungszustand der zu analysierenden DNA schließt.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch die Verwendung eines erfindungsgemäßen Verfahrens zur Diagnose und/oder Prognose nachteiliger Ereignisse für Patienten oder Individuen, wobei diese nachteiligen Ereignisse mindestens einer der folgenden Kategorien angehören: unerwünschte Arzneimittelwirkungen; Krebserkrankungen; CNS-Fehlfunktionen, Schäden oder Krankheit; Aggressionssymptome oder Verhaltensstörungen; klinische, psychologische und soziale Konsequenzen von Gehirnschädigungen; psychotische Störungen und Persönlichkeitsstörungen;

gen; Demenz und/oder assoziierte Syndrome; kardiovaskuläre Krankheit, Fehlfunktion und Schädigung; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des gastrointestinalen Traktes; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Atmungssystems; Verletzung, Entzündung, Infektion, Immunität und/oder Rekonvaleszenz; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Körpers als Abweichung im Entwicklungsprozess; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit der Haut, der Muskeln, des Bindegewebes oder der Knochen; endokrine und metabolische Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit; Kopfschmerzen oder sexuelle Fehlfunktion.

Vorteilhaft ist dabei die Verwendung eines erfindungsgemäßen Verfahrens zur Unterscheidung von Zelltypen oder Geweben oder zur Untersuchung der Zelldifferenzierung.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch ein Kit, bestehend aus einem Bisulfit enthaltenen Reagenz, Primern zur Herstellung der Amplifikate, sowie optional einer Anleitung zur Durchführung eines erfindungsgemäßen Assays.

Die vorliegende Erfindung beschreibt somit ein Verfahren zur Detektion des Methylierungszustandes genomicscher DNA Proben. Im Gegensatz zu bislang bekannten Verfahren wird der Methylierungsgrad eines Satzes von CpG Positionen in einer ausgewählten Untergruppe von DNA-Fragmenten z. B. in Serum bestimmt, so dass eine Analyse auch in Gegenwart eines Überschusses an diagnostisch nicht relevanter Hintergrund-DNA möglich ist.

Die im zweiten Amplifikationsschritt erhaltenen Fragmente werden auf ihre Methylierungssignatur hin analysiert und der Methylierungsgrad bevorzugt mehrerer ehemaliger CpG Positionen in den Amplifikaten bestimmt. Bevorzugt wird aus dem Methylierungsgrad an den verschiedenen untersuchten CpG Positionen auf das Vorliegen einer Erkrankung oder

eines anderen medizinischen Zustandes des Patienten geschlossen.

Das Wesen der vorliegenden Erfindung ist es nun, dass
5 zwei Arten von CpG Positionen eine Rolle spielen und
gleichermaßen zur Analyse beitragen und die nachfolgend
als "Qualifier"-Positionen und "Classifier"-Positionen
benannt werden sollen. Die Qualifier-Positionen dienen
dazu, zwischen den beiden Amplifikationsschritten, bei
10 der enzymatischen Spaltung, zwischen der zu analysierende
DNA und der Hintergrund-DNA zu unterscheiden. Dies kann
technisch auf unterschiedliche Art und Weise erfolgen.
Eigenschaft dieser Positionen ist es jedoch, dass ihr Me-
thylierungsgrad in zu untersuchender DNA möglichst ver-
15 schieden ist von dem in der Hintergrund-DNA. Die Classi-
fier-Positionen dienen im Gegensatz dazu, aus dem Ampli-
fikat, erzeugt überwiegend aus der zu untersuchenden DNA,
über den jeweiligen Methylierungsgrad die für die Diagno-
se bedeutende Information zu extrahieren. Es können bis
20 zu einigen 100 solcher Classifier Positionen für eine A-
nalysen verwendet werden, erfolgt die Analyse beispielswei-
se auf Oligomer-Arrays, auch wenn dies oftmals nicht er-
forderlich sein wird. Es ist jedoch in diesem Fall weni-
ger das Entstehen eines bestimmten Amplifikates, das für
25 das Untersuchungsergebnis von Bedeutung ist, sondern
vielmehr die Analyse der CpG-Positionen in selbigem
Amplifikat. Dies unterscheidet die hier beschriebene Me-
thode grundlegend von anderen sonst bekannten, für die
Methylierungsanalyse genutzten Methoden wie MSP. In eini-
30 gen Fällen ist es jedoch sicher möglich und sinnvoll, die
aus dem Entstehen eines Amplifikates abzuleitende Infor-
mation in die Analyse mit einzubeziehen, in diesem Fall
sind einige Positionen dann zugleich Classifier und Qua-
lifier.

Ein besonders bevorzugtes mögliches Vorgehen ist im folgenden beschrieben.

Der erste Schritt des Verfahrens, die Gewinnung von Proben, erfolgt bevorzugt durch Entnahme von Körperflüssigkeiten wie z. B. Sputum oder aber Serum, jedoch ist es offenkundig dass das Verfahren mit vielerlei Proben aus unterschiedlichen Quellen durchführbar ist.

Es erfolgt in einigen Fällen vor der Bisulfit-Behandlung eine Aufreinigung oder Aufkonzentration der DNA, um eine Störung der Bisulfit-Reaktion und/oder der nachfolgenden PCR durch ein zu hohes Maß an Verunreinigungen zu vermeiden. Es ist jedoch bekannt, dass beispielsweise eine PCR aus Gewebe nach Behandlung beispielsweise mit Proteinase K ohne weitere Aufreinigung erfolgen kann, und dies gilt sinngemäß auch für die Bisulfit-Behandlung und nachfolgende PCR.

Die chemische Behandlung wird bevorzugt durch Behandlung mit einem Bisulfit (=Hydrogensulfit, Disulfit), wiederum bevorzugt Natriumbisulfit (weniger geeignet ist Ammoniumbisulfit) durchgeführt. Entweder erfolgt die Reaktion nach einer publizierten Variante, bevorzugt ist hier die Einbettung der DNA in Agarose, um die DNA während der Behandlung in einzelsträngigen Zustand zu halten, oder aber nach einer neuen Variante durch Behandlung in Gegenwart eines Radikalfängers und eines denaturierenden Reagenzes, bevorzugt ein Oligoethylenglykoldialkylether oder beispielsweise Dioxan. Vor der PCR Reaktion werden die Reagenzien entweder durch Waschen im Falle der Agarosemethode oder einem DNA-Aufreinigungsverfahren (Stand der Technik, Fällung oder Bindung an eine Festphase, Membran) entfernt oder aber einfach durch Verdünnung in einen Konzentrationsbereich gebracht, der die PCR nicht mehr signifikant beeinflusst.

Wesentlich für den nächsten Schritt ist es nun, dass die Qualifier Positionen ausgewählt werden und ein geeignetes Restriktionsenzym gewählt wird, das selektive Spaltung der nicht zu analysierenden Hintergrund-DNA erlaubt. Die Auswahl der Positionen erfolgt nach der Prämisse, dass sie sich zwischen Hintergrund-DNA und zu untersuchender DNA hinsichtlich ihrer Methylierung so sehr wie möglich unterscheiden sollten, zudem muss für den entsprechenden Sequenzkontext ein geeignetes Enzym verfügbar sein. Das Restriktionsenzym muss zudem so ausgewählt werden, dass sich keine Schnitte etwa in anderen gewünschten Amplifikaten ergeben.

Zunächst werden also die Methylierungsprofile der jeweils in Frage kommenden Abschnitte eines Gens sowohl für die zu untersuchenden Tumore als auch für die Hintergrund-DNA aus gesunden Individuen bestimmt. Diejenigen Positionen, die die größten Unterschiede zwischen Tumor DNA und Hintergrund-DNA (beispielsweise im Serum) aufweisen, werden als Qualifier Positionen ausgewählt. Solche Positionen sind für eine Vielzahl von Genen bereits bekannt, beispielsweise für GSTpi, für HIC-1 und MGMT (von Wrönski MA, Harris LC, Tano K, Mitra S, Bigner DD, Brent TP. (1992) Cytosine methylation and suppression of O6-methylguanine-DNA methyltransferase expression in human rhabdomyosarcoma cell lines and xenografts. Oncol Res.;4(4-5):167-74; Esteller M, Toyota M, Sanchez-Cespedes M, Capella G, Peinado MA, Watkins DN, Issa JP, Sidransky D, Baylin SB, Herman JG. (2000), Inactivation of the DNA repair gene O6-methylguanine-DNA methyltransferase by promoter hypermethylation is associated with G to A mutations in K-ras in colorectal tumorigenesis. Cancer Res. May 1;60(9):2368-71).

Die chemisch behandelte DNA wird im Prinzip, wie es Stand der Technik ist, mittels mindestens zweier Primer ampli-

fiziert, eine Multiplexierung ist möglich. Innerhalb des von den beiden Primern eingegrenzten DNA-Abschnittes befinden sich eine oder mehrere Qualifier-Positionen, aber bevorzugt auch eine oder mehrere Classifier-Positionen.

5 Die Reihenfolge dieser Positionen ist für das Aufsetzen des hier beschriebenen Assays unerheblich.

Wie oben aufgeführt, wird nach der ersten Amplifikation ein Verdau mit einem oder mehreren Restriktionsenzymen, je nach Anzahl der Qualifier-Positionen, durchgeführt.

10 Nach dem Verdau werden die noch vorhandenen Primer, Enzyme und eventuell Nukleotide entweder durch einen Aufreinigungsschritt entfernt (beispielsweise kann eine Ethanol-Präzipitierung durchgeführt werden, oder es wird ein handelsüblicher Aufreinigungskit für PCR Produkte verwendet) oder aber die Lösung wird mit PCR-Puffer für die zweite Amplifikation so erheblich verdünnt, dass die oben genannten Bestandteile in dieser Reaktion nicht ins Gewicht fallen.

20 Wie oben angesprochen, können mehrere Qualifier-Positionen und auch demnach mehrere, jeweils für einen in der Hintergrund-DNA vorliegenden Methylierungsstatus und damit nach Bisulfit-Umwandlung für eine bestimmte Sequenz spezifische Restriktionsenzyme in einem solchen Verfahren verwendet werden.

25 Die Primer der zweiten Amplifikation liegen bevorzugt innerhalb des in der ersten Amplifikation erzeugten Fragments und zwar derart, dass sie mit den zuvor verwendeten Primern weder signifikant überlappen noch mit ihnen hybridisieren. Es wird also eine nested PCR durchgeführt. Damit das Verfahren funktioniert, ist darauf zu achten, dass die Qualifier Positionen innerhalb des zweiten Amplifikates liegen. Eine Überlappung der Primer der zweiten Amplifikation mit der Qualifier-Position ist mög-

lich. Wenn diese sich so nahe am 3'-Ende des Primers befindet, dass im Falle geschnittener DNA keine Amplifikation mehr stattfinden kann.

- 5 Nach der selektiven, zweiten Amplifikation der zu untersuchenden DNA können nun bevorzugt, nach an sich bekannten Verfahren, der Methylierungsstatus mehrerer Classifier-Positionen bestimmt werden.
- 10 Es ist offensichtlich, dass auch in diesem Fall das Entstehen eines PCR Fragmentes selbst im Einzelfall von hinreichender Aussagekraft sein kann, sofern man, wie auch bei der MSP, die Situation vorliegen hat, dass die Qualifier-Position praktisch zu 100% beispielsweise in der Hintergrund-DNA unmethyliert vorliegt, jedoch in der zu untersuchenden DNA aufmethyliert vorliegt. Verwendet man nun in der PCR ein Oligonukleotid, das bevorzugt an die Sequenz bindet, welche in der Bisulfit-Behandlung aus nicht methylierter Hintergrund-DNA entsteht, so entsteht in der PCR nur dann ein Produkt, wenn wenigstens eine geringe Menge an zu untersuchender DNA überhaupt vorhanden ist. Dies kann im Einzelfall bereits hinreichend für eine Diagnose sein, und es würde sich hierbei um ein Verfahren handeln, dass ein ähnliches Anwendungspotential aufweist wie MSP. Obgleich eine solche Durchführung nicht direkt bevorzugt ist, ist ein solches Verfahren bislang nicht bekannt und wird demzufolge ebenfalls als zugehörig zum Gegenstand dieser Erfindung betrachtet.
- 15
- 20
- 25
- 30 Bevorzugt ist es, dass in einer PCR-Reaktion mehrere Fragmente gleichzeitig erzeugt werden, d.h. dass eine Multiplex-PCR durchgeführt wird. Bei bisulfit-behandelter DNA hat man dabei den Vorteil, dass aufgrund des unterschiedlichen G und C-Gehaltes der beiden DNA-Stränge ein Forward-Primer niemals auch als Reverse-Primer fungieren kann, was die Multiplexierung erleichtert.
- 35

Im einfachsten Fall werden nun die entstandenen Fragmente nachgewiesen, ohne Einzelinformation über den Methylierungsgrad der in ihnen vorhanden ehemaligen CpG Positionen zu erhalten. Dazu kommen alle möglichen bekannten molekularbiologischen Verfahren in Frage, wie Gelektrophorese, Sequenzierung, Flüssigchromatographie oder Hybridisierungen, ohne dass dabei die Classifier Positionen separat analysiert werden. Dies wäre auch zur Qualitätskontrolle der vorangehenden Verfahrensschritte denkbar. Wie oben ausgeführt, ist jedoch die nachfolgende Analyse des Methylierungsgrades der Classifier-Positionen besonders bevorzugt.

Es gibt zahlreiche Möglichkeiten die bevorzugte Amplifikation der zu untersuchenden DNA im zweiten Amplifikationsschritt vorteilhaft mit Detektionstechniken für die Classifier-Oligonukleotide zu kombinieren.

Detektionstechniken, die sich besonders eignen, sind die Hybridisierung an Oligomerarrays und beispielsweise Primer-Extension (MiniSequenzierung) Reaktionen. Die Hybridisierung an Oligomerarrays kann ohne weitere Veränderung von Protokollen gegenüber dem nächstliegenden Stand der Technik verwendet werden (Olek A, Olek S, Walter J; WO-Patent 9928498). Jedoch ist es bevorzugt, die Amplifikate an einen Array von Oligomeren zu hybridisieren, der aus Paaren von an einer Festphase immobilisierten Oligonukleotiden besteht, von denen eines jeweils stark bevorzugt an einen ein ursprünglich unmethyliertes CpG (Classifier-Position) enthaltenden DNA-Abschnitt hybridisiert und das andere wiederum stark bevorzugt an den entsprechenden Abschnitt, in dem ursprünglich ein methyliertes CpG enthalten war, jeweils vor der Bisulfit-Behandlung und Amplifikation. Besonders bevorzugt ist in diesem Fall das Amplifikat oder die Amplifikate fluoreszent oder radioaktiv

oder mit ablösbaren Massentags markiert, so dass sich nach der Hybridisierung die an die beiden Oligonukleotide eines Paars gebundenen Fragmente anhand dieser Markierung nachweisen und quantifizieren lassen. Man erhält ein
5 Intensitätsverhältnis, aus dem man beispielsweise nach Eichung des Experimentes mit vollständig methylierter und unmethylierter DNA den Methylierungsgrad an der jeweiligen Classifier-Position bestimmen kann. Auf einem solchen Oligomer-Array (Fig. 1) lassen sich eine Vielzahl von
10 Fragmenten und Classifier-Positionen gleichzeitig nachweisen.

Es ist sinnvoll und bevorzugt, dass der Array auch Qualifier-Positionen detektierende Oligomere zur Kontrolle des Experimentes enthält, da so das Verhältnis der in die Analyse eingehenden zu untersuchenden DNA zur Hintergrund-DNA bestimmt werden kann.
15

Primerextensionsreaktionen können ebenfalls an auf einer Festphase immobilisierten Oligonukleotide ausgeführt werden. Obgleich nicht zwingend erforderlich, ist die Immobilisierung dieser Primer bevorzugt, da in der Regel eine Vielzahl von Classifier-Positionen aus mehreren Amplifikaten untersucht werden soll und dies auf einer Festphase, also an einem Oligomerarrays, bedeutend leichter und
20 in einem Experiment durchführbar ist. Es ist besonders bevorzugt, dass die Primer sich unmittelbar neben einer Classifier-Position befinden und dass die Verlängerung nur um ein Nukleotid erfolgt. Es ist besonders bevorzugt,
25 dass lediglich Didesoxythymidin und Didesoxycytidin als Nukleotide zugesetzt werden und dass diese jeweils mit einem unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoff markiert sind, wobei allerdings auch andere, unterscheidbare Markierungen wie Massentags denkbar und bevorzugt sind. Nach einer Bisulfit-Behandlung und Amplifikation liegen ehemalige methylierte CG als CG und nicht methylierte CG nun
30 mehr als TG vor. Die Primerextensionsreaktion führt daher
35

entweder zum Einbau eines Didesoxycytidins oder Didesoxythymidins. Aus dem Verhältnis der für diese beiden Terminatoren jeweils detektierten Fluoreszenzmarkierungen lässt sich auf den Methylierungsgrad der jeweiligen Position schließen. Es ist auch möglich und bevorzugt, in diesem Fall die Primerextension mit Desoxycytidin und Desoxythymidin durchzuführen, wenn man kein Guaninderivat zugibt und demzufolge bei einer TG oder CG Sequenz bereits nach einer Base die Primerextension ohnehin endet.

5 Zudem ist es ebenfalls bevorzugt, die Analyse auf dem Ge- genstrang durch Unterscheidung von CA und CG analog durchzuführen, dann entsprechend mit Didesoxy-ATP und Di- desoxy-GTP oder deren Derivaten.

10 Eine besonders bevorzugte Variante des Verfahrens ist je- doch die gleichzeitige Detektion von Qualifier-Positionen und Classifier-Positionen in einem Experiment, was sich durch Verwendung von Taqman oder Lightcycler- Technologievarianten (Real time PCR) erzielen lässt. In

15 diesem Sonderfall des vorliegenden Verfahrens wird die zweite Amplifikation als Real time PCR mit entsprechenden Reporteroligonukleotiden durchgeführt, die an verschiedenen Classifier Positionen binden können. Dabei werden bevorzugt Paare solcher Reporteroligonukleotide verwendet, wo-

20 bei das eine Oligonukleotide bevorzugt an die Sequenz bindet, die einer methylierten Position vor der Bisulfit- Behandlung entspricht, und das andere an die Sequenz entstehend aus einer entsprechend unmethylierten Position.

25 Dabei werden zusätzlich zu den Oligonukleotiden, die für eine Amplifikation der zu untersuchenden DNA sorgen, wei- tere fluoreszenzmarkierte Oligonukleotide zugesetzt, und die Änderung der Fluoreszenz während der PCR-Reaktion ge- messen. Dabei erhält man überwiegend, weil ja die zu un- tersuchende DNA amplifiziert wird, auch aus dieser Fluo-

30 reszenzänderung unmittelbar Information über den Methy- lierungsstatus verschiedener Classifier CpG Positionen.

35

Da verschiedene Oligonukleotide bevorzugt jeweils mit unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffen versehen werden, ist auch eine Unterscheidung der Fluoreszenzänderung während der PCR getrennt für verschiedene Positionen möglich.

5

Diese vom Methylierungsstatus abhängige Fluoreszenzänderung kann durch zahlreiche Methoden erzielt werden, von denen hier beispielhaft zwei aufgeführt werden sollen.

10

Zum einen können Oligonukleotid Sonden verwendet werden, die spezifisch entweder an eine Sequenz binden, die durch chemische Behandlung aus einer an der entsprechenden Position unmethylierten DNA hervorgegangen ist, oder aber entsprechend an einer Sequenz, die durch chemische Behandlung aus einer an der entsprechenden Position methylierten DNA hervorgegangen ist. Diese Sonden sind besonders bevorzugt mit zwei Fluoreszenzfarbstoffen versehen, einem Quencherfarbstoff und einem als Marker dienenden Fluoreszenzfarbstoff. Beide sind mit der gleichen Oligonukleotidsonde verknüpft. Findet nun eine PCR-Reaktion mit der zu untersuchenden DNA als Templat statt, so wird die PCR Reaktion diesmal durch die fluoreszent markierte Oligomersonde blockiert. Da diese jedoch nicht gegen die Nukleaseaktivität der Polymerase resistent ist, findet ein Abbau der an die Templat-DNA gebundenen Sonde während der PCR-Reaktion statt, der mit der Bindungseffizienz der Sonde an das Templat korreliert, da die nicht gebundene Sonde von der Polymerase nicht abgebaut wird. Der Abbau der Sonde wird nun dadurch, dass dabei der Quencherfarbstoff und der als Marker dienende Fluoreszenzfarbstoff voneinander getrennt werden, durch eine Zunahme der Fluoreszenz des Markerfarbstoffs unmittelbar sichtbar. Im Prinzip handelt es sich hierbei um eine Variante des so genannten Taqman Assays.

30

35

Was man demnach misst, ist das Entstehen eines PCR Produktes aus der zu untersuchenden DNA, jedoch nur dann wenn die untersuchte Classifier-Position auch in dem Methylierungszustand vorliegt, den die Sonde durch Hybridisieren an die chemisch behandelte DNA detektieren kann.

Eine Gegenprobe mit einer Sonde, die entsprechend an die Classifier Position im anderen Methylierungszustand binden würde, ist daher zweckmäßig und bevorzugt. Es kann prinzipiell auch nur mit einer Sonde gearbeitet werden, welche noch nicht einmal unbedingt an eine Classifier Position binden muss, und aus dem Entstehen des PCR Produktes unmittelbar nur auf das Vorliegen eines bestimmten Methylierungsstatus in der Qualifier Position geschlossen werden.

Bevorzugt werden verschiedene Fluoreszenzfarbstoffe mit unterschiedlichen Emissionswellenlängen an mehreren Sonden zusammen mit dem Quencher eingesetzt, um eine Unterscheidbarkeit der Sonden und damit eine Multiplexierung zu erreichen.

Bevorzugt ist es auch, dass mit einer Sonde mehrere Positionen gleichzeitig auf ihren Methylierungsgrad untersucht werden können.

Ist eine genauere Quantifizierung des Methylierungsgrades der Classifier-Positionen wünschenswert, so können bevorzugt auch zwei mit einander konkurrierende Sonden mit unterschiedlichen Farbstoffen eingesetzt werden, wobei eine wiederum im Fall einer unmethylierten Position in der zu untersuchenden DNA, die andere umgekehrt im Falle einer methylierten Position bevorzugt bindet. Aus dem Verhältnis der Fluoreszenzzunahmen für die beiden Farbstoffe lässt sich dann wiederum auf den Methylierungsgrad der untersuchten Position schließen.

Ein grundsätzlich anderes Verfahren, bei dem jedoch auch während der PCR eine Fluoreszenzänderung erfolgt, ist gegenwärtig als LightCyclertm Technologie bekannt. Dabei wird ausgenutzt, dass ein Fluoreszenz Resonanz Energie-
5 transfer (FRET) zwischen zwei Farbstoffen nur erfolgen kann, wenn diese sich in unmittelbarer Nähe, das heißt 1-5 Nukleotide voneinander entfernt befinden. Nur dann kann der zweite Farbstoff von der Emission des ersten Farbstoffes angeregt werden und dann seinerseits Licht
10 einer anderen Wellenlänge emittieren, das dann detektiert wird.

Im vorliegenden Fall der Methylierungsanalyse erfolgt eine Hybridisierung einer fluoreszenzmarkierten Sonde an die betreffende chemisch behandelte DNA an einer Classifier-Position, und die Bindung dieser Sonde hängt wiederum davon ab, ob die zu untersuchende DNA an dieser Position methyliert oder unmethyliert vorlag. Unmittelbar benachbart zu dieser Sonde bindet eine weitere Sonde mit einem anderen Fluoreszenzfarbstoff. Diese Bindung erfolgt bevorzugt wiederum Sequenz- und damit methylierungsabhängig, wenn in dem betreffenden Sequenzabschnitt eine weitere methylierbare Position vorliegt (immer jeweils nach Bisulfit-Behandlung). Während der Amplifikation wird nun die DNA vermehrt, weshalb immer mehr fluoreszenzmarkierte Sonden benachbart an die betreffende Position binden, sofern diese vor der Bisulfit-Behandlung den dafür erforderlichen Methylierungszustand aufwies, und daher ein zunehmender FRET gemessen wird.
25

Auch bei diesem Verfahren erfolgt bevorzugt eine Multiplexierung mit mehreren verschiedenen fluoreszenzmarkierten Sonden.
30
35 Beide Verfahren unterscheiden sich im Ergebnis hauptsächlich darin, dass in einem Fall eine Abnahme, im anderen

Fall eine Zunahme der Fluoreszenz gemessen wird. In beiden Fällen können sowohl Qualifier- als auch Classifier-Positionen gemessen werden.

5 Die folgenden Beispiele erläutern die Erfindung:

Beispiel 1:

Durchführung des Verfahrens am Beispiel des ELK-1 Gens

10 Die aus Serum isolierte DNA wird unter Verwendung von Bisulphit (Hydrogensulfit, Disulfit) derart behandelt, dass alle an der 5-Position der Base nicht methylierten Cytosine in Uracil umgewandelt werden, während die in 5-Position methylierten Cytosine unverändert bleiben. Für
15 diese Reaktion wird die im Stand der Technik bekannte und oben beschriebene Agarose-Methode verwendet. Die erste Amplifikation eines definierten Fragmentes der Länge 530 bp aus der Promotorregion des ELK-1 Gens erfolgt nun mittels zweier Primeroligonukleotiden

20 ATGGTTTGTAAATYGTAGAGTT (SEQ-ID: 1) und TAAACCCRAAAAAAAACCCAATAT (SEQ-ID: 2). Um alle in der
29. ehemaligen genomischen CpG Position dieses Fragmentes methylierten Amplifikate zu entfernen, wird das Amplifikat zunächst durch Ethanol Präzipitation isoliert und anschliessend mit Mae II nach den Angaben des Herstellers (Roche Molecular Biochemicals) inkubiert. Nach erfolgtem Verdau wird die Lösung 1:10000 mit PCR-Puffer verdünnt und eine zweite Amplifikation mit den Primeroligonukleotiden TTTATTTTATATAAGTTGT (SEQ-ID: 3) und
25 CCCTTCCCTACAAAATAC (SEQ-ID: 4) durchgeführt. Diese Primeroligonukleotide sind mit dem Fluoreszenfarbstoff Cy5 markiert, daher ist auch das bei der PCR erhaltene Fragment markiert.

30

Beispiel 2:

Durchführung der Hybridisierung und Auswertung eines hybridisierten DNA-“Chip”

5 Das in Beispiel 1 hergestellte Amplifikat wird auf einen DNA Chip hybridisiert. Auf dem Chip sind zuvor Oligonukleotide immobilisiert worden. Die Oligonukleotidsequenzen leiten sich von dem in Beispiel 1 genannten amplifizierten Fragment des Gens ELK-1 ab, und repräsentieren die CG Dinukleotide, die unmittelbare Umgebung einschließend. Die Länge der Oligonukleotide beträgt 14-10 22 Nukleotide, die Position des CG Dinukleotides innerhalb der Oligonukleotide ist variabel. Nach der Hybridisierung (5 h, 38°C, 5x SSC) wird der DNA Chip auf einem 15 Fluoreszenzscanner (Genepix 4000A) vermessen und die Hybridisierungssignale numerisch ausgewertet.

Die beigefügten Figuren dienen gleichfalls zur Erläuterung der Erfindung.

20 In Figur 1 ist ein DNA Chip nach Hybridisierung mit dem Promotor Fragment dargestellt. Dargestellt ist das Falschfarben-Bild wie es nach dem Scannen erzeugt wird. Entgegen der hier dargestellten schwarz-weiß Abbildung wird von dem Scanner ein farbiges Bild erzeugt. Die Intensität der verschiedenen Farben repräsentiert den Grad der Hybridisierung, wobei der Hybridisierungsgrad von rot (in Figur 1 als helle Spots zu erkennen) nach blau (in Figur 1 als dunkle Spots zu erkennen) abnimmt.

25

30 Figur 2 zeigt schematisch die grundlegende Vorgehensweise des erfindungsgemäßen Verfahrens. Auf der linken Seite ist die nicht zu analysierende Hintergrund-DNA dargestellt, die in diesem Beispiel partiell methyliert vorliegt, auf der rechten Seite entsprechend unmethylierte 35 zu analysierende DNA. Im ersten Schritt (A) findet eine

Bisulfit-Umwandlung statt, im zweiten Schritt (B) erfolgt die erste Amplifikation. Im dritten Schritt (C) wird die nicht zu analysierende Hintergrund-DNA gespalten, die verbleibende DNA wird anschliessend (D) erneut amplifiziert. Ihre Sequenzeigenschaften erlauben nachfolgend Rückschlüsse auf den Methylierungsstatus der zu untersuchenden DNA an prinzipiell allen Positionen, die sich in dem amplifizierten Bereich befinden.

Patentansprüche

1. Verfahren zum Nachweis von Cytosin-Methylierung in
5 DNA-Proben, dadurch gekennzeichnet, dass die folgen-
den Verfahrensschritte ausgeführt werden:

10 eine genomische DNA Probe wird chemisch, bevorzugt
mit einem Bisulfit (=Disulfit, Hydrogensulfit), der-
art behandelt, dass Cytosin in eine vom Basenpaar-
ungsverhalten in der DNA-Duplex her unterschiedliche
Base umgewandelt wird, während 5-Methylcytosin unver-
ändert bleibt,

15 Abschnitte der Proben-DNA werden mittels einer Poly-
merasreaktion amplifiziert,

20 die DNA wird enzymatisch selektiv an solchen Positionen geschnitten, die in der DNA Probe einen Methylierungsstatus aufwiesen, welcher fuer die weiter zu untersuchende DNA nicht charakteristisch ist, nicht aber für Hintergrund-DNA,

25 die nicht enzymatisch geschnittene DNA wird in einer weiteren Polymeraseraktion amplifiziert, dadurch wird die zu untersuchende DNA gegenüber etwa vorhandener Hintergrund DNA angereichert,

30 das Amplifikat wird hinsichtlich seiner Sequenz untersucht und daraus auf den Methylierungsstatus in der zu untersuchenden DNA in der genomischen DNA-
Probe geschlossen.

35 2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass man die Proben DNA aus Serum oder anderen Körperflüssigkeiten eines Individuums gewinnt.

3. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass man die Proben DNA aus Zelllinien, Blut, Sputum,
Stuhl, Urin, Serum, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit,
5 in Paraffin einbettetem Gewebe, beispielsweise Gewebe
von Augen, Darm, Niere, Hirn, Herz, Prostata, Lunge,
Brust oder Leber, histologischen Objektträgern und
allen möglichen Kombinationen hiervon gewinnt.
- 10 4. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet, dass man die chemische Be-
handlung mit einem Bisulfit (=Disulfit, Hydrogensul-
fit) durchführt.
- 15 5. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet,
dass die chemische Behandlung nach Einbetten der DNA
in Agarose erfolgt.
- 20 6. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet,
dass bei der chemischen Behandlung ein die DNA-Duplex
denaturierendes Reagenz und/oder ein Radikalfänger
zugegen ist.
- 25 7. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet, dass die Amplifikation mehre-
rer Fragmente in einem Reaktionsgefäß in Form einer
Multiplex-PCR durchgeführt wird.
- 30 8. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet, dass die in der Amplifikation
eingesetzten Primer die chemisch mit Bisulfit umge-
wandelte DNA amplifizieren, nicht aber die entspre-
chende nicht umgewandelte genomische Sequenz.

9. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass der enzymatische Schnitt mittels einer Restriktionsendonuklease erfolgt.
- 5 10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei der Restriktionsendonuklease um Mae II, Psp 1406 I, Ast II, Ssp 5230 I, Bbr P I, Bsa Al, Sna B I, Cfo I, Hin P1 I, Eco 47 III, NAR I, Ehe I, Kas I, Bbe I, Hae II, Acy I, Ban I, Hgi CI, Aos I, Avi II, Hpa II, Msp I, Pin AI, Age I, Eco 56 I, Nae I, Cfr10I, SgrAI, Fse I, XmaCI, Sma I, Srf I, Ava I, Bse Al, Mro I, Taq I, Cla I, Sal I, Hind II, Acc I, Xho I, Sfu I, BstBI, Hinf I, Sau 96 I, Dra II, PssI, Ita I, Dsa V, Scr F I, Mae III, Bst E II, Dde I, Cel II, Esp I oder Aoc I handelt.
- 10 11. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass mehrere Restriktionsendonukleasen zum Einsatz kommen.
- 15 20 12. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass mehrere verschiedene Restriktionsendonukleasen in einem Reaktionsgefäß zu Einsatz kommen.
- 25 13. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass in dem Restriktions- schritt mindestens 90 % aller in der vorherigen Amplifikation erzeugten Fragmente geschnitten werden.
- 30 14. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass in dem zweiten Amplifi- kationsschritt die gleichen Primer verwendet werden wie im ersten Amplifikationsschritt.
- 35 15. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass in dem zweiten Amplifi-

5 kationsschritt zusätzlich oder ausschliesslich Primer verwendet werden, die an die Amplifikate des ersten Schrittes hybridisieren, nicht aber wesentlich mit den Primern des ersten Schrittes identisch sind oder mit ihnen hybridisieren (nested PCR).

10 16. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass auch der zweite Amplifikationsschritt als Multiplex PCR ausgeführt wird.

15 17. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass Primer des zweiten Amplifikationsschrittes mit den Schnittstellen der im vorangehenden Schritt eingesetzten Restriktionsendonuklease(n) überlappen.

20 18. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Hintergrund-DNA in 100 facher Konzentration im Vergleich zur zu untersuchenden DNA vorliegt.

25 19. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Hintergrund-DNA in 1000 facher Konzentration im Vergleich zur zu untersuchenden DNA vorliegt.

30 20. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Analyse der Sequenz-eigenschaften der Amplifikate mittels Hybridisierung an Oligomer-Arrays erfolgt, wobei Oligomere Nukleinsäuren oder in ihren Hybridisierungseigenschaften ähnliche Moleküle wie PNAs sein können.

35 21. Verfahren nach Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligomere über einen 12-22 Basen langen Ab-

schnitt an die zu analysierende DNA hybridisieren und sie ein CG, TG oder CA Dinukleotid umfassen.

22. Verfahren nach einem der Ansprüche 20 oder 21, dadurch gekennzeichnet, dass der Methylierungsstatus von mehr als 10 Methylierungspositionen der zu analysierenden DNA in einem Experiment nachgewiesen wird.
5
23. Verfahren nach einem der Ansprüche 20 oder 21, dadurch gekennzeichnet, dass der Methylierungsstatus von mehr als 60 Methylierungspositionen der zu analysierenden DNA in einem Experiment nachgewiesen wird.
10
24. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 19, dadurch gekennzeichnet, dass die Analyse durch Längenmessung der amplifizierten zu untersuchenden DNA erfolgt, wobei Methoden zur Längenmessung Gelelektrophorese, Kapillargelelektrophorese, Chromatographie (z.B. HPLC), Massenspektrometrie und andere geeignete Methoden umfassen.
15
25. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 19, dadurch gekennzeichnet, dass die Analyse durch Sequenzierung erfolgt, wobei Methoden zur Sequenzierung die Sanger-Methode, Maxam-Gilbert-Methode und andere Methoden wie Sequencing by Hybridisation (SBH) umfassen.
20
26. Verfahren nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, dass man die Sequenzierung für jede oder eine kleine Gruppe von CpG Positionen mit jeweils einem separaten Primeroligonukleotid ausführt und die Verlängerung der Primer nur eine oder einige wenige Basen ausmacht, und man aus der Art der Primerverlängerung auf den Methylierungsstatus der betreffenden Positionen
30
- 35

27. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man aus dem Methylierungsgrad an den verschiedenen untersuchten CpG Positionen auf das Vorliegen einer Erkrankung oder eines anderen medizinischen Zustandes des Patienten schließt.
5
28. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Amplifikate selbst für die Detektion mit mindestens einer nachweisbaren Markierung versehen sind, die bevorzugt entweder durch Markierung der Primer oder aber der Nukleotide während der Amplifikation eingebracht wird.
10
29. Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen Fluoreszenzmarkierungen sind.
15
30. Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen Radionuklide sind.
20
31. Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen ablösbare Massenmarkierungen sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden.
25
32. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass bei mindestens einer der Amplifikationen einer der jeweiligen Primer an eine Festphase gebunden ist.
30
33. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 19, dadurch gekennzeichnet, dass die Amplifikate insgesamt im Massenspektrometer nachgewiesen werden und somit durch ihre Masse eindeutig charakterisiert sind.
35

34. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 19, dadurch gekennzeichnet, dass die Bildung spezifischer Fragmente während der Amplifikation unter Verwendung von Reporteroligonukleotiden beobachtet wird, welche ihre Fluoreszenzeigenschaften durch Interaktion mit dem Amplifikat und/oder der Polymerase ändern.
5
35. Verfahren nach Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, dass man zusätzlich zu dem Reporteroligonukleotid ein weiteres mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiertes Oligomer verwendet, welches unmittelbar benachbart zu dem Reporteroligonukleotid an das Amplifikat hybridisiert und sich diese Hybridisierung mittels Fluoreszenz Resonanz Energietransfer nachweisen lässt.
10
36. Verfahren nach einem der Ansprüche 34 oder 35, dadurch gekennzeichnet, dass ein Taqman-Assay durchgeführt wird.
15
37. Verfahren nach einem der Ansprüche 34 oder 35, dadurch gekennzeichnet, dass ein Lightcycler Assay durchgeführt wird.
20
38. Verfahren nach einem der Ansprüche 34 bis 37, dadurch gekennzeichnet, dass die Reporteroligonukleotide mindestens eine Fluoreszenzmarkierung tragen.
25
39. Verfahren nach einem der Ansprüche 34 bis 38, dadurch gekennzeichnet, dass die Reportermoleküle die Amplifikation entweder durch eine Zunahme oder eine Abnahme der Fluoreszenz anzeigen.
30
40. Verfahren nach Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, dass man die Zunahme oder Abnahme der Fluoreszenz direkt zur Analyse verwendet und aus dem Fluoreszenz-
35

signal auf einen Methylierungszustand der zu analysierenden DNA schließt.

41. Verwendung eines Verfahrens nach einem der voranstehenden Ansprüche zur Diagnose und/oder Prognose nachteiliger Ereignisse für Patienten oder Individuen, wobei diese nachteiligen Ereignisse mindestens einer der folgenden Kategorien angehören: unerwünschte Arzneimittelwirkungen; Krebserkrankungen; CNS-Fehlfunktionen, Schäden oder Krankheit; Aggressions-symptome oder Verhaltensstörungen; klinische, psychologische und soziale Konsequenzen von Gehirnschädigungen; psychotische Störungen und Persönlichkeits-störungen; Demenz und/oder assoziierte Syndrome; kardiovaskuläre Krankheit, Fehlfunktion und Schädigung; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des gastrointestinalen Traktes; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Atmungssystems; Verletzung, Entzündung, Infektion, Immunität und/oder Rekonvaleszenz; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Körpers als Abweichung im Entwicklungsprozess; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit der Haut, der Muskeln, des Bindegewebes oder der Knochen; endokrine und metaboli sche Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit; Kopfschmerzen oder sexuelle Fehlfunktion.
42. Verwendung eines Verfahrens nach einem der voranstehenden Ansprüche zur Unterscheidung von Zelltypen oder Geweben oder zur Untersuchung der Zelldifferenzierung.
43. Kit, bestehend aus einem Bisulfit enthaltenen Reagenz, Primern zur Herstellung der Amplifikate, sowie optional einer Anleitung zur Durchführung eines Assays nach einem der Ansprüche 1-33.

BEST AVAILABLE COPY

WO 03/000926

PCT/DE02/02264

1/2

Fig. 1

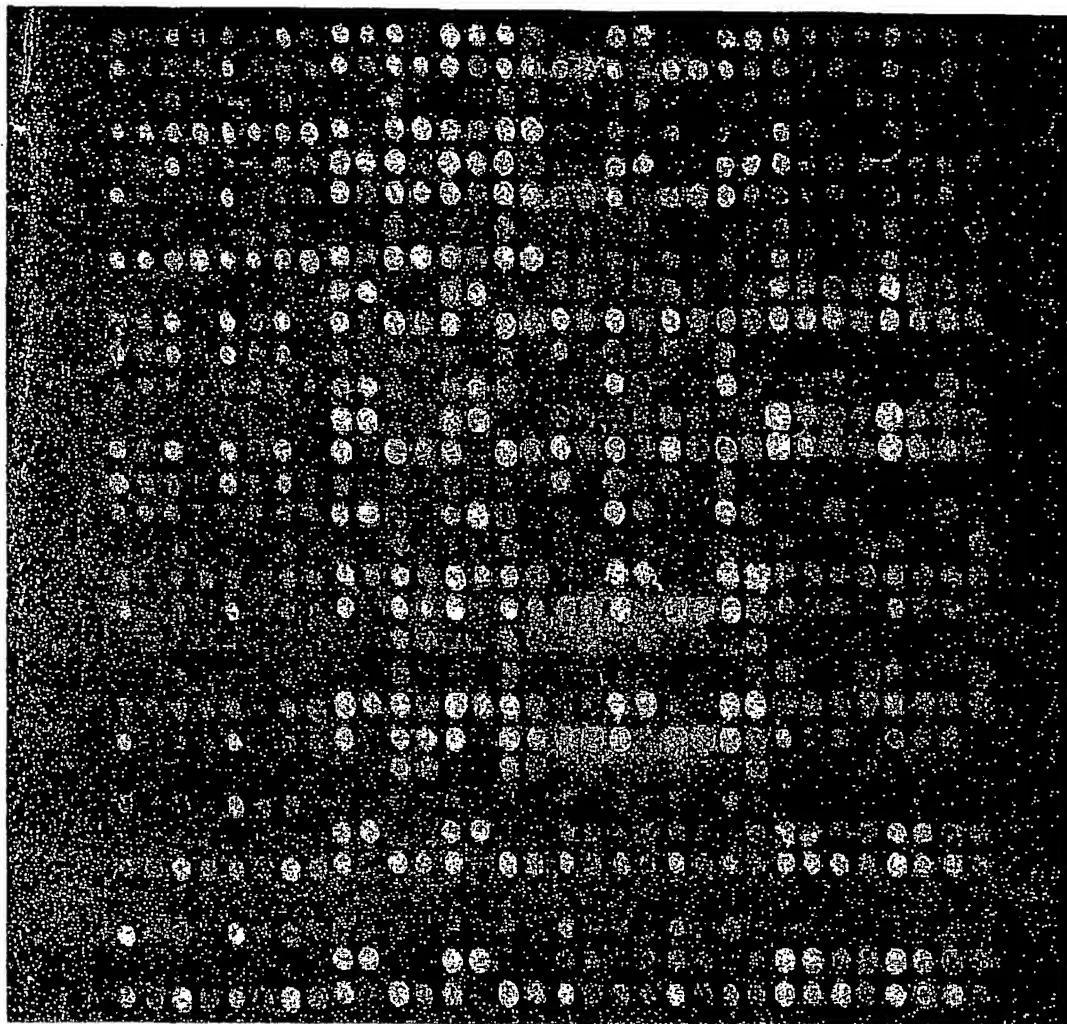
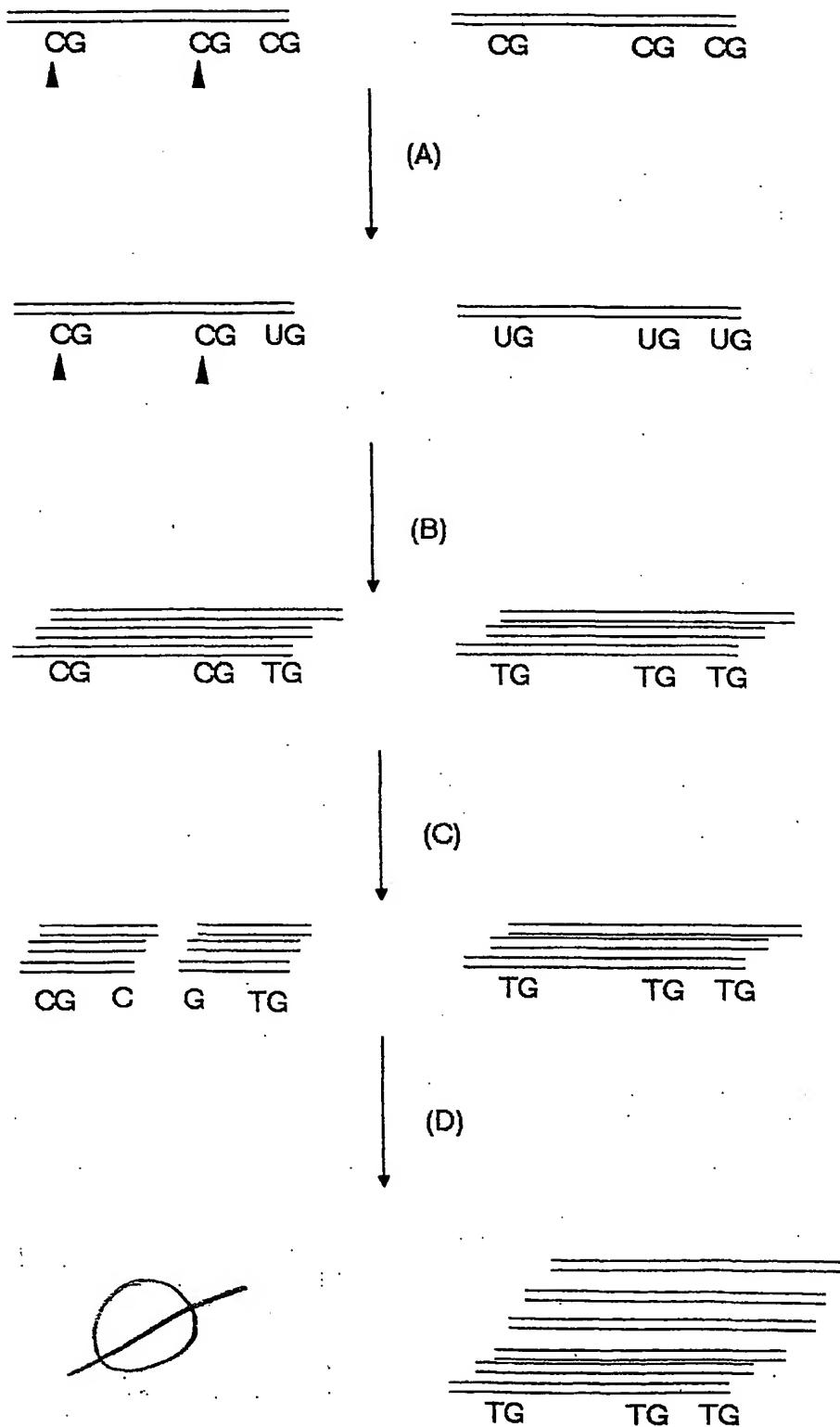


Fig. 2

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Epigenomics AG

<120> Verfahren zum Nachweis von Cytosin-Methylierungen mit hoher Sensitivität

<130> E01/1310/WO

<140>
<141>

<160> 4

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 28

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer

<400> 1

atggtttgt ttaatygtag agttgttt

28

<210> 2

<211> 27

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer

<400> 2

taaaccraa aaaaaaaaaac ccaatat

27

<210> 3

<211> 24

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer

<400> 3

tttattttta tataagtttt gttt

24

<210> 4

<211> 21

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer

<400> 4

cccttccta caaaactata c

21